

Hur bra förutsäger kvigors avelsvärden framtida prestationer som kor?

- Hur starka är sambanden mellan avelsvärden och faktiska prestationer?

How well predict heifers' breeding values future performance as cows?

Anna Gunnarsson



Hur bra förutsäger kvigors avelsvärden framtida prestationer som kor?
How well predict heifers' breeding values future performance as cows?

Anna Gunnarsson

Handledare: Madeleine Magnusson, SLU, Institution för biosystem och teknologi

Btr handledare: Hans Stålhammar, Viking Genetics

Examinator: Anders Henrik Herlin, SLU, Institution för biosystem och teknologi

Omfattning: 10 hp

Nivå och fördjupning: Grundnivå, G1E

Kurstitel: Examensarbete för lantmästarprogrammet inom lantbruksvetenskap

Kurskod: EX0619

Program/utbildning: Lantmästare - kandidatprogram

Utgivningsort: Alnarp

Utgivningsår: 2017

Omslagsbild: Anna Gunnarsson

Elektronisk publicering: <http://stud.epsilon.slu.se>

Nyckelord: NTM, MIN, avkommebedömning, juverhälsa, mastit, avelsvärde, avkastning, kviga.



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Fakulteten för landskapsarkitektur, trädgårds-
och växtproduktionsvetenskap
Institutionen för biosystem och teknologi

FÖRORD

Lantmästare-kandidatprogrammet är en tre-årig universitetsutbildning vilken omfattar 180 högskolepoäng (hp). En av de obligatoriska delarna i denna är att genomföra ett eget arbete som ska presenteras med en skriftlig rapport och ett seminarium. Detta arbete som utförs under andra året kan t.ex. ha formen av ett mindre försök som utvärderas eller en sammanställning av litteratur vilken analyseras. Arbetsinsatsen ska motsvara minst sex-sju veckors heltidsstudier (10 hp).

Jag är intresserad av ämnet mjölkkor på besättningsnivå. Avel är något jag jobbat med genom att seminera mjölkkor under ett antal år innan mina studier på Alnarp. Jag tycker att det är kul och en viktig del för att kunna utveckla djurvälståndet och för att få ett lönsamt mjölkföretag.

Ett varmt tack riktas till Hans Stålhammar, Viking Genetics, Växa Sverige och de två gårdar som har bidragit med djur till min undersökning, kunskap och coachning under hela min skrivtid samt ett varmt tack till min handledare Madeleine Magnusson, SLU för all hjälp.

Universitetslektor Anders Henrik Herlin har varit examinator.

Alnarp maj 2017

Anna Gunnarsson

INNEHÅLLSFÖRTECKNING

| | |
|-------------------------------------------------------------------|----|
| SAMMANFATTNING | 3 |
| SUMMARY | 4 |
| INLEDNING..... | 5 |
| BAKGRUND | 5 |
| SYFTE | 5 |
| MÅL | 5 |
| AVGRÄNSNING..... | 5 |
| LITTERATURSTUDIE..... | 7 |
| MJÖLKKOR..... | 7 |
| RASEN HOLSTEIN..... | 7 |
| AVELSVÄRDEN | 8 |
| ARVBARHET..... | 8 |
| NAV – NORDISK AVELSVÄRDERING..... | 8 |
| INTERBULL..... | 9 |
| AVKOMMEBEDÖMNING..... | 9 |
| GENOMISKA TESTER | 10 |
| NTM – NORDIC TOTAL MERIT | 10 |
| MJÖLKINDEX – MIN | 11 |
| MATERIAL OCH METOD | 12 |
| KORRELATION | 13 |
| REGRESSIONSANALYS..... | 13 |
| RESULTAT | 14 |
| KORRELATION INOM GÅRD OCH ÅR | 14 |
| REGRESSIONSANALYS..... | 17 |
| JUVERHÄLSA..... | 20 |
| GRUPPERING EFTER MJÖLKINDEX | 24 |
| GRUPPERING EFTER MJÖLKINDEX OCH BERÄKNING AV MEDELAVKASTNING..... | 24 |
| DISKUSSION | 26 |
| FÖRVÄNTNINGAR..... | 26 |
| GÅRD 1 MED AVELSVÄRDE BASERAT PÅ GENOMISKA TESTER | 26 |
| GÅRD 2 MED AVELSVÄRDEN BASERAT PÅ HÄRSTAMNING | 26 |
| JUVERHÄLSA..... | 26 |
| MJÖLKPRIS..... | 27 |
| JÄMFÖRELSE MELLAN GÅRDARNA | 27 |
| VERKTYG FÖR KOKONTROLLEN | 28 |
| TANKAR KRING SLUTSATS | 29 |
| SLUTSATS | 29 |
| REFERENSER | 30 |

SAMMANFATTNING

Avelsarbetet som genomförs av Viking Genetics är ett samarbete mellan de nordiska länderna Finland, Danmark och Sverige. Det är i detta samarbete, nordisk avelsvärdering – NAV, som avelsmål tas fram och revideras. I juni 2016 fanns det 330 800 mjölkkor registrerade i Sverige, av dessa var cirka 82% anknutna till kokontrollen. Det är från kokontrollen som avelsarbetet hämtas mycket av sin information. Det är genom kokontrollen som all inrapportering sker, Sverige har ett utav världens mest omfattande informationskällor till forskning inom avel. I avelsarbetet räknar man på ekonomin för viktiga faktorer som exempelvis avkastning, fruktsamhet och juverhälsa, egenskaperna får ett ekonomiskt värde som vägs samman och bildar ett totalindex – NTM (Nordic Total Merit). Syftet med NTM är att skapa en lönsam mjölk och köttproduktion. Sedan 2007 har genomiska tester använts ute på gårdarna för att få ett säkrare genetiskt avelsvärde på djuren och för att med större säkerhet kunna beräkna förutsägelsen för framtida prestationer.

Hypotesen var att för djuren som testas genomiskt skulle sambandet mellan variablerna MIN (mjölkindex) respektive NTM mot avkastning vara starkare än för djuren med avelsvärden baserat på härstamningsindex. Gårdarnas resultat har jämförts med varandra och resultatet visade att de genomiska testerna förutsäger djurens framtida prestationer, mjölkavkastning, bättre.

Trenden är att fler och fler besättningar börjar använda sig av genomiska tester på sina djur. I undersökningen har data från två gårdar används, gård 1 som testade alla sina djur genomiskt och gård 2 som använde sig av härstamningsindex. Det är utifrån djurens avelsvärden som varje besättning väljer tjurar för att följa sin avelsstrategi och för att få bästa möjliga ekonomi och djurhälsa i besättningen. Denna undersökningen har samband mellan mjölkindex och avkastning samt NTM och avkastning beräknats. För en av gårdarna har också samband mellan juverhälsa och avkastning studerats.

Avelsvärden för varje djur hämtades ifrån Kokontrollen och från Växa Sveriges databas KOOL. I undersökningen ingick 106 djur födda 2013 och 2014 från gård 1 och 151 djur födda år 2013 från gård 2. Alla djuren var av rasen Holstein, men med en tolerans på 6% inblandning av annan ras. Avelsvärdena har hämtats från hösten efter att djuren föddes, dvs från hösten 2014 och hösten 2015.

NTM baserat på genomiska tester ger med större säkerhet svar på djurets framtida prestationer och underlättar avelsplaneringen vilket leder till att besättningarna får friskare och hållbarare djur, vilket är gynnsamt för företagets ekonomi. Det går även att dra slutsatsen att det är värdefullt att vara med i kokontrollen då mycket information hämtades därifrån och som korrigerade djurens avelsvärden.

SUMMARY

The breeding work carried out by Viking Genetics is part of a collaboration between the Nordic countries Finland, Denmark and Sweden. It is in this collaboration, Nordic Breeding Evaluation - NAV, breeding goal being developed and revised. In Sweden, there were 330,800 dairy cows registered in June 2016, of which about 82% are connected to the milk recording. It is from the milk recording that the breeding work receives a lot of information. Through the milk recording and other reports, Sweden has one of the most comprehensive sources of information for research on breeding. In the breeding work, the economy is calculated for various aspects that are important, eg udder health, yield and fertility, these get an economic value that weighed together to form a total index - NTM. The purpose of NTM is to create profitable milk and meat production. Since 2007, genomic tests have been used on farms to get a more accurate genetic breeding value on our animals and to be able to calculate better prediction of future performance of our animals.

The hypothesis was that the genomic tested animals should have stronger correlations between MIN – milk yield and NTM - milk yield, than animals that are not genomic tested. The result showed that the genomic tests better predicted the animals' future performance in terms of milk yield.

The animal breeding value is used when bulls are chosen. The bulls should fit into the herds breeding strategy to achieve the best production, animal health and farm economy. The trend is that there are more and more herds that begin to make use of genomic tests on their animals.

In the survey, two farms have been investigated, farm 1 that takes genomic tests on all their animals and farm 2 using pedigree-based estimated breeding values. The animals included in the survey were 106 cows from farm 1 born, 2013 and 2014 and 151 animals from farm 2 born 2013. All the animals included in the survey were Holstein breed, but with a tolerance of 6% interference from another breeds. Breeding values have been collected from the autumn after the animals were born, 2014 and 2015, respectively. Breeding values for each animal have been taken from the milk recording and from Växa Sweden's database KOOL. The relationship between milk index and yield ECM (Energy corrected milk) and between NTM and yield ECM has been calculated. For farm 2 the relationship between udder health and yield ECM has been investigated.

NTM based on genomic tests better predict response to animal future performance and facilitates breeding planning, which means that the farmers get healthier and more sustainable animals, which is beneficial to the farms economy.

INLEDNING

Bakgrund

Utifrån uppsatta avelsmål arbetar Viking Genetics med att ta fram avelsmaterial som passar för att målet skall uppnås. För att få en mer lönsam mjölk och köttproduktion tog man fram ett totalindex där man lagt ekonomiskt vikt på alla variabler, detta totalindex heter NTM – Nordic Total Merit. Uppsatta mål är att avelsarbetet skall ge en hög produktion, god hälsa och funktionell exteriör, med bästa möjliga totalekonomi. Genom unika registreringar på besättningsnivå hämtar Viking Genetics mycket information om sina tjurar och deras döttrar. Tidigare använde sig Viking Genetics endast utav avkommebedömning för sina tjurar för att fastställa avelsindex. Under de senaste åren har det blivit mer och mer vanligt att använda sig av genomiska tester för att beräkna avelsvärden.

Syfte

Syftet med undersökningen är att visa sambanden mellan djurens avelsvärden och verkligt utfall för djur som avlas efter genomiska tester och djur som avlas efter härstamningsindex och avkommebedömning.

Mål

Målet med examensarbetet är att undersöka sambandet mellan avelsvärden och verklig produktion för avelsvärdena som är baserade på genomiska tester respektive härstamning. Avsikten är att studera kvigors avelsvärden NTM, mjölkindex (MIN) och juverindex och jämföra dem med deras verkliga mjölkproduktion och juverhälsa som de har som mjölkkor. Hypotesen är att det finns starkare samband mellan kvigors avelsvärden baserade på genomiska tester och framtida produktion än mellan avelsvärden baserade på härstamningsindex och produktion.

Avgränsning

Undersökningen avgränsas till att endast studera två faktorer, en med hög arvbarhet, mjölkavkastning och en med låg arvbarhet, juverhälsa. Undersökningen begränsas till 2 gårdar, en som baserar avelsvärdena på genomiska tester och en som baserar avelsvärdena på härstamningsindex. Målsättningen var att alla djur som ingick i undersökningen skulle vara födda 2013 men för gården som använde genomiskt testade djur så användes djur från två årsklasser, år 2013 och år 2014. Mastitresistens studeras

endast på gården med avelsvärden baserade på härstamningsindex, på grund av för få djur i årsklasserna på gården med genomiskt testade djur.

LITTERATURSTUDIE

Mjölkkor

Enligt Statistiska Centralbyrån fanns det 330 800 mjölkkor i Sverige i juni år 2016, detta är en minskning med 11% sedan år 2007. Under samma period hade invägningen av mjölk på landets mejerier minskat med 4%. Att inte minskningen för mjölken skett i samma takt som minskningen av kor beror på att den genomsnittliga avkastningen per ko har ökat. Även antalet mjölkföretag har blivit färre. Sedan år 2007 är det en minskning med 45%, från 7100 företag till 3900 företag, men den genomsnittliga besättningsstorleken har ökat från 52 kor till 82 kor (SCB, 2017). Anslutna till Växa Sverige och kokontrollen är cirka 82% av mjölkkorna, av dessa djur så utgör Holstein cirka 55%. Den genomsnittliga avkastningen för dessa djur är 10 452 kg ECM, SRB har en genomsnittlig avkastning på 9749 kg ECM (Växa, 2016d).

Rasen Holstein

På mitten av 1800-talet var största andelen av korna rödbrokiga i Sverige. Några få andra raser fanns vid den tiden också men de var väldigt få till antalet. Genom korsningsavel föddes rasen SLB på 1860-talet. Under 1959 togs den första importen av Holstein-sperma in i Sverige från Kanada, sperman kom från tre olika tjurar i 600 glasbehållare. Av de tre tjurarna var det bara en som höll den kvalité på sina avkommor som efterfrågades, döttrar med bra produktion och fetthalt. Dock tyckte inte mjölkkoägarna om exteriören på Holsteindjuren och importen slutade. Även 1967 kom det in ett förslag om import av Holstein till Skånesemins styrelse, som nekades. På 1970-talets början startade en studie i Norge där sperma från Holstein importerades, från länderna USA, Kanada och England. Sverige fick förfrågan om att delta i undersökningen genom att göra en parallellstudie, vilket man ville och studien utfördes på en halländsk gård. På grund av undersökningens omfattning var resultatet litet men det som framkom var nästan allt som man senare och med större säkerhet kunde säga om Holsteindjuren. Importen av Holstein-sperma fick sitt genomslag på den svenska marknaden år 1976. En av de mest betydelsefulla tjurarna var Apache, vars sperma importerades från USA. Hans söner visade goda resultat i avkommebedömningen och utvecklingen tog fart. Under perioden 1976–1992 bytes SLB ut mot Holstein i våra svenska besättningar (Lindhé, 2009). I Sverige finns det endast cirka 50 stycken mjölkkor kvar som är 100% av rasen SLB, totalt finns det cirka 300 kor och kvigor som är inte är korsade med Holstein (Skansen, 2017). Enligt Agria (2016) är Holstein den vanligast rasen, cirka 51% av de registrerade korna i Sverige är av rasen Holstein.

Avelsvärden

Utifrån ett genomtänkt och välbalanserat avelsmål pågår ett urvalsarbete ständigt för att nå det uppsatta målet. Genom att aktivt söka efter djur som har de bästa förutsättningarna för att förbättra en populationens medelvärde, så kan dessa hittas och användas som avelsdjur. Om syftet är att förändra en egenskap måste arbetet börja tidigt eftersom en egenskapsförändring inte sker över en generation. Däremot blir förändringen bestående generationen efter, på grund av att förändring då skett på gennivå. Produktionsegenskaper påverkas av flera olika anlagspar och det är därför inte lika lätt att förutspå nedärvningen som för egenskaper som styrs av ett ensamt anlagspar. För att mäta hur pass väl djur passar in i en population så använder man sig av fenotypvärden (observerbara egenskaper). Fenotyper påverkas av individens gener samt miljön och slumpen. När ett avelsvärde skall beräknas studeras hur mycket individerna avviker från besättningsens medelvärde. Olika egenskaper har olika stor spridning och variation. Finns det en tydlig spridning på utfallet kan man med högre säkerhet välja ut de djuren som är bättre än medeltalet. Ju större populationen är desto lättare är det att utföra bedömningar och jämförelser inom populationen, man kan då med större säkerhet säga att individen är bättre än medeltalen, än om populationen skulle vara liten. Det är viktigt att man har mycket information om varje individ i populationen för att mätningar skall kunna genomföras korrekt och för att få ett tillförlitligt resultat. För att samla information om våra djur använder vi oss av rapporteringar och registreringar till olika databaser. Registreringar och rapporteringar för mjölkrasen sker till kokontrollen, seminbokföring, veterinärdata och slaktdata (Viking Genetics, 2008).

Arvbarhet

Arvbarhet kallas det uppskattade måttet på hur stor del av den totala variationen hos djuren som beror på arvet. Med hjälp av all information som har rapporterats in och registrerats i exempelvis kokontrollen kan arvbarheten för olika egenskaper beräknas. Genom att göra registreringar på djur som står i samma miljö och får samma typ av utfodring kan man enklare sortera bort miljöeffekter som påverkar djuret. Generellt har exteriör och produktionsegenskaper medelhög till hög arvbarhet och fruktsamhet och hälsoegenskaper har låg arvbarhet. Fruktsamhet och hälsoegenskaper påverkas väldigt mycket av den yttre miljön därför har den låg arvbarhet. Samband finns mellan vissa egenskaper, dessa samband kan bero på både miljö och arvsanlag, för att mäta detta använder man sig av ett mått, genetisk korrelation, som mäter hur stor del av två egenskaper som hänger ihop på grund av arvsanlaget. Detta är något som avelsarbetet måste ta hänsyn till (Nilsson, 2009).

NAV – Nordisk avelsvärdering

Genom NAV, nordisk avelsvärdering, finns ett samarbete mellan Sverige, Finland och Danmark. Det är här som beslut om avelsmål tas och egenskapers ekonomiska värde bestäms (Växa, 2016b). Tanken med samarbetet NAV är att främja mjölkproduktionen i

sina medlemsländer. Genom ett effektivt arbete med avelsfrågor vill man öka avelsframstegen inom raserna Jersey, Holstein och de nordiska röda raserna. Samarbetet NAV startades år 2002 och ägs av FABA i Finland, Växa Sverige och Seges i Danmark (Växa, 2016c). När nya beslut skall fattas, exempelvis nya avelsmål så kommer ett förslag från NAV som skickas ut till ägarna i respektive land där förslaget tas omhand och utvärderas, i Sverige är det *Styrgrupp Avel* som tar hand om förslaget innan den skickas till *Husdjursnämnden* och slutligen tar förslaget samma väg tillbaka för att hamna hos NAV igen så att ett beslut om förändring kan fattas. Frågor tar samma väg i Danmark och Finland som i Sverige och NAV sammanställer som sista instans.

Interbull

För att kunna använda sig av tjurar från flera länder, bildades en organisation år 1994 som heter Interbull. Detta gjordes för att på ett säkert sätt jämföra genetiska avelsvärden rättvist på avelstjurar som härstammar från olika populationer. Idag utför Interbull avelsvärdering på internationell nivå utifrån data från de länder som deltar, idag är det 30 länder som är knutna till organisationen. Interbull hanterar sju olika grupper av egenskaper – juverhälsa, mjölkproduktion, hållbarhet, kalvningar, fruktsamhet, exteriör och bruksegenskaper. De olika miljöskillnader som finns mellan länder och alla kända släktskap hanteras. Genom Interbulls arbete blir det enklare och säkrare att jämföra tjurar från olika länder (Växa, 2016b).

Avkommebedömning

På 1950-talet uppkom de moderna metoderna för avkommebedömning, man förutsatte då att en avkomma förväntas ha en avkastning som motsvarar medeltalet för mor och fars anlag (figur 1).

$$\frac{\text{Avelsvärde Mor} + \text{Far}}{2} = \text{Förväntad avkastning}$$

Figur 1. Formel för avkommors förväntade avkastning (Lindhé, 2009).

Man använder tjurens döttrar för att få fram tjurens avelsvärde. Som riktmärke för att mäta avkastning vill man ha 100 döttrar efter en tjur för att få ett så tillförlitligt avelsvärde som möjligt och har man fler döttrar blir avelsvärdet säkrare. När man tittar på mastitresistens som inte har en lika hög arvbarhet som avkastning vill man gärna ha 150 döttrar för att få fram ett tillförlitligt avelsvärde (Lindhé, 2009). Härstamningsindex är baserat på mor och farföräldrars mjölkindex och den nyfödda kalven har fått sitt index redan före födseln. Medelvärde är 100 (Nilsson, 2009). Praktiskt går det till så att en tjur som har bra avelsanlag köps in av Viking Genetics, sperma samlas in för att frysas ner i kärl med flytande kväve. Tjuren förflyttas sen till ett så kallat väntestall, där får han stå till dess att han har fått tillräckligt med döttrar för en avkommebedömning skall

kunna utföras. Om döttrarna har presterat bra så kommer han att få fortsätta att lämna sperma annars går han till slakt. De egenskaper som registreras hos döttrarna är bland annat avkastning, mjölkflöde, juver, ben, klövar, tillväxt, sjukdomar och kalvningar. Det negativa med detta är att det tar många år innan tillräckligt många döttrar är födda och att de har kommit in i produktionen. Det krävs att döttrarna skall ha gått in i produktion för att en avkommebedömning skall kunna genomföras (Nilsson, 2009).

Genomiska tester

År 2007 diskuterades det mycket om genomisk selektion, forskningen var i full gång och det man inte riktigt visste var hur fort framstegen skulle komma och i vilken hastighet det skulle vara på förändringen? Men man visste att förändringarna skulle bli stora, redan efter ett halvår kom de första resultaten baserat på svenska djur för genomisk selektion och metoden börjades användas för att sortera ut intressanta tjurkalvar till avel (Johansson, 2009). Genom att ta DNA-prov på ungdjur kan man tidigt selektera bort de djur som inte har de ”rätta genetiska anlagen” för att bli en avelstjur. Ett DNA-test består av ett blodprov eller ett hårprov, testet kan tas redan på den unga kalven. Genom avläsning får man fram olika geners sammansättning och genetiska baspar. Som referenspopulation till testen användes de redan avkommebedömda tjurarna. Det som är den största vinsten av denna typ av selektering är att generationsintervallen förkortas avsevärt (Johansson, 2009).

NTM – Nordic Total Merit

NTM är ett totalindex där målet är att skapa en lönsam mjölk- och köttproduktion. Genom att lägga ett ekonomiskt värde på varje egenskap som är viktig ur ekonomisk synvinkel kan man öka lönsamheten i mjölkföretagen. I grunden hämtas information från besättningsarnas egna registreringar i kokontrollen samt registreringar från mejeri, veterinärer, klövvårdare, seminerings, slakterier med mera, detta skapar en unik plattform med information som avelsmål kan baseras på, med dessa unika registreringar gör det NTM till världens mest omfattande avelsmål. Man eftersträvar ständigt ett välbalanserat avelsmål som ger mjölkföretagaren kor med förbättrad hälsa, fruktsamhet, avkastning och en funktionell exteriör (NAV, u.å.-a). Medelvärde är 0, djuren ligger normalt mellan -20 till +20. Egenskapernas vikt är olika och beror på djurens ras och kön (Nilsson, 2009).

Det fanns cirka 50 olika egenskaper som är sammanvägda till 13 huvudgrupper, genom åren kan de ändras beroende på hur stor ekonomisk vikt egenskapen har eller om avelsmålet ändras så kan egenskapernas ekonomiska vikt förändras (tabell 1).

Tabell 1. Huvudgrupper inom NTM där olika egenskaper ingår (Växa, 2016a).

| Hälsa | Produktion | Exteriör |
|--------------------|------------|----------|
| Honlig fruktsamhet | Mjölkinde | Kropp |
| Kalvningsförmåga | Tillväxt | Ben |
| Juvehälsa | | Juvel |
| Övriga sjukdomar | | |
| Klövhälsa | | |
| Överlevnad | | |
| Mjölkbärlighet | | |
| Lynne | | |

Mjölkinde – MIN

MIN (mjölkinde) ger information om djurets potential, ur genetisk synpunkt, vad det gäller att producera mjölk, fett och protein. Enligt NAV är målet att ”producera mjölkråvara som motsvarar mejeriets betalningssystem”. Detta avelsmål medför att mjölmängden minskar medan fett- och proteinhalterna kommer att öka, då man idag får betalt för halterna mer än kilogram mjölk (NAV, u.å.-b). Betalningen för mjölken till bönderna från mejeriet baseras på mängd och fett och protein. Dessutom kan bönderna få olika betalt beroende på mjölkens kvalitet och det förekommer också olika typer av tillägg, exempelvis kan gårdarna ha oberoende hämtning och mängdtillägg (Arla, 2017b). Mjölkkornas mjölkinde baseras på den verkliga avkastningen samt djurets föräldrars mjölkinde (Svensk Mjölk, u.å).

MATERIAL OCH METOD

Litteraturstudien har utförts med hjälp av litteratur i bokform om avel och mjölkkor och internetsidor som Nordisk Avelsvärderings hemsida, Växa Sverige och sökningar på Google.

Data till undersökningen samlades in under två dagar hos Viking Genetics på Örnsro i Skara med hjälp från biträdande handledare Hans Stålhammar. Informationen är hämtad ur Växa Sveriges tjänst Kokontrollen och Växa Sveriges interndatabas KOOL. Excel har använts för att behandla all data och samtliga statistiska samband och diagram med undantag för grupperingstesten för juverhälsa där utfallet tagits fram med hjälp av MiniTab. Undersökningen är baserad på djur från två halländska besättningar, gårdarna har kontaktats med hjälp från Viking Genetics. Djuren har under hela undersökningen behandlats separat, och de har inte blandats om de är födda olika år.

Djuren som ingår i undersökningen var alla av rasen Holstein till minst 94%. Det fanns alltså några djur med upp till 6% inblandning av någon annan ras. Det var vanligast att djuren hade inblandningen av SRB.

Gård 1 testade alla sina kalvar genomiskt med ett fåtal undantag (de djur som inte var genomiskt testade ingår inte i undersökningen) och gård 2 använde sig av härstamningsindex när de bedömde avelsvärden på djuren. Olika statistiska analyser har gjorts för att undersöka hur starkt sambandet mellan de olika variablerna är. De olika variablerna som undersökts är avkastning, mjölkindex (MIN), NTM och på gård 2 har även juverhälsoindex och förekomst av juverrelaterade sjukdomar studerats. Djur som är utgångna på grund av juverhälsoproblem är medräknade som behandlade djur i undersökningen.

Avkastningssiffrorna som använts i undersökningen är djurens 305 dagars ECM (Energi korrigerad mjölk), för de djur som inte har kommit upp i 305 dagars laktation har avkastningen räknats fram och en uppskattad avkastning är framtagen genom att ta antal laktationsdagar delat med den avkastning de hade hittills och sedan multiplicerat det med 305 dagar för att få fram det uppskattade avkastningsvärdet. För att få ihop tillräckligt antal djur som var genomiskt testade i en och samma besättning användes data från djur som var födda både 2013 och 2014. Från gård 1 ingick 50 djur födda 2013 och 56 djur födda 2014. Från gård 2 ingick 151 djur födda år 2013.

Kvigornas avelsvärden är hämtade från hösten efter födelseåret, dvs från hösten 2014 och hösten 2015. En regression har beräknats för båda gårdarna, som visar hur mycket avkastningen förväntas stiga när mjölkindex ökar med en indexenhet.

På gård 2 med avelsvärden baserade på härstamningsindex genomfördes ett test där djuren grupperades efter deras mjölkindex som kviga och sedan gjordes en ny gruppering efter deras mjölkindex som ko då mjölkindexet var påverkat av individens egna mjölkavkastning. I testet grupperades djuren in i fem ungefär lika stora grupper (28 - 31 djur/grupp) efter ökat mjölkindex. Grupperna har jämförts med varandra för att se hur många djur som var kvar i samma grupp före och efter första laktationen. På båda gårdarna genomfördes ytterligare en test där djuren blev indelade i tre lika stora grupper

efter deras mjölkindex som kviga. Medelavkastningen räknades ut för varje grupp och jämfördes mot årsklassens totala medelavkastning.

Korrelation

Samband mellan olika variabler går att räkna ut genom att göra en korrelation, beräkningen berättar hur väl ett stickprov stämmer överens mot en rät linje. Korrelationskoefficienten som framkommer genom uträkningen berättar inte något om linjens lutning utan endast om eller hur mycket den avviker från linjen. I uträkning får man ut ett värde mellan +1 och -1, ju närmre +1 man är, desto starkare är sambandet = maximalt positivt samband, och tvärtom om man kommer närmare -1 = maximalt negativt samband. Om korrelationen är 0 så finns det inget samband mellan de två variablerna. Genom korrelationen kan man inte få fram någon orsak eller anledning till varför det blir just som det blir, utan bara hur starkt sambandet är. Sambandet mellan exempelvis mjölkindex och avkastning skulle kunna vara lågt på grund av miljöaspekter, alltså kan en anledning till lågt samband vara att besättningen drabbats av en smitta eller ett virus som påverkat avkastningen eller att det har varit en dålig period för kalvhälsan (Vejde & Leander, u.å.-b).

Regressionsanalys

Regressionsanalys är en statistisk analys där man vill förtydliga sannolikhetsgraden för sambandet mellan en beroende variabel och en oberoende variabel. Man kan även vilja förtydliga ett samband genom att testa olika variabler och kombinationer i olika typer av matematiska uträkningar (Vejde & Leander, u.å.-a).

P-värdet skall vara under 5% för att man ska kunna säga att det är osannolikt att få de resultat man har fått om noll hypotesen är sann. Regressionskoefficienterna berättar om det är någon lutning på linjen. R^2 -värdet anger anpassningen till linjen, ju närmre 0 värdet är desto svagare är sambandet. R^2 -värdet visar regressionens förklaringsgrad, dvs hur mycket av variationen i den beroende variabeln som förklaras av den oberoende variabeln.

RESULTAT

Korrelation inom gård och år

Korrelationen mellan avelsindex som kviga – som ko, visar ett tydligt samband för djuren från gård 1 som använde genomiska tester, vad det gäller avelsvärdet MIN som kviga och som ko för respektive år (korr: 0,87 och 0,92). Sambandet mellan NTM som kviga och som ko (korr: 0,76 och 0,92) var inte lika starkt som sambandet för MIN, men det var fortfarande ett väldigt tydligt samband. Tabell 2 visar att sambanden var lägre för gård 2 med avelsvärden baserade på härstamningsindex jämfört med gård 1 med avelsvärden baserat på genomiska tester.

Tabell 2. Korrelation mellan avelsindex, MIN och NTM som kviga och som ko

| Avelsindex | Korrelation |
|----------------------------|-------------|
| Gård 1 – genomiskt testade | |
| 2013 | |
| MIN (kviga) - MIN (ko) | 0,87 |
| NTM (kviga) – NTM (ko) | 0,76 |
| 2014 | |
| MIN (kviga) – MIN (ko) | 0,92 |
| NTM (kviga) – NTM (ko) | 0,92 |
| Gård 2 - härstamningsindex | |
| 2013 | |
| MIN (kviga) – MIN (ko) | 0,71 |
| NTM (kviga) – NTM (ko) | 0,62 |

På båda gårdarna fanns ett klart samband mellan avelsvärdena MIN som kviga och NTM som kviga (korr: 0,46 - 0,59), det syntes även att det fanns ett samband mellan mjölkavkastning som ko och MIN som kviga (korr: 0,25 – 0,54). Däremot var sambandet mellan NTM som kviga och mjölkavkastning som ko väldigt svagt (korr: 0,11 – 0,30; tabell 3).

Tabell 3. Korrelation mellan olika avelsindex, MIN och NTM som kviga och mjölkavkastning som ko 305 dagars ECM (avk)

| Avelsindex | Korrelation |
|----------------------------|-------------|
| Gård 1 – genomiska tester | |
| 2013 | |
| MIN (kviga) – NTM (kviga) | 0,50 |
| MIN (kviga) - avk | 0,44 |
| NTM (kviga) - avk | 0,12 |
| 2014 | |
| MIN (kviga) – NTM (kviga) | 0,46 |
| MIN (kviga) - avk | 0,54 |
| NTM (kviga) - avk | 0,30 |
| Gård 2 - härstamningsindex | |
| 2013 | |
| MIN (kviga) – NTM (kviga) | 0,59 |
| MIN (kviga) - avk | 0,25 |
| NTM (kviga) - avk | 0,11 |

Korrelationen för avelsindex som ko och mjölkavkastning som ko mätt i 305 dagars ECM visar ett tydligt samband mellan mjölkindex (MIN) som ko och avkastning som ko (korr: 0,51 – 0,63) och att sambandet mellan NTM som ko och avkastning som ko (korr: 0,17 – 0,37) var svagt. Dock fanns det ett klart samband (korr: 0,35 – 0,61) mellan de båda avelsvärdena MIN som ko - NTM som ko (tabell 4).

Tabell 4. Korrelation mellan avelsindex MIN och NTM som ko och mjölkavkastning som ko mätt i 305 dagars ECM (avk)

| Avelsindex | Korrelation |
|----------------------------|-------------|
| Gård 1 – genomiskt testade | |
| 2013 | |
| MIN (ko) – NTM (ko) | 0,35 |
| MIN (ko) - avk | 0,51 |
| NTM (ko) - avk | 0,17 |
| 2014 | |
| MIN (ko) – NTM (ko) | 0,40 |
| MIN (ko) - avk | 0,52 |
| NTM (ko) - avk | 0,31 |
| Gård 2 - härstamningsindex | |
| 2013 | |
| MIN (ko) – NTM (ko) | 0,61 |
| MIN (ko) - avk | 0,63 |
| NTM (ko) - avk | 0,37 |

För gård 1, som använde genomiska tester, var medelvärdena för båda årens (2013 och 2014, från tabell 3 och 4) korrelationer MIN(kviga) - avk 0,49, NTM (kviga)- avk 0,21, MIN (ko) – avk 0,52 och NTM (ko) – avk 0,24.

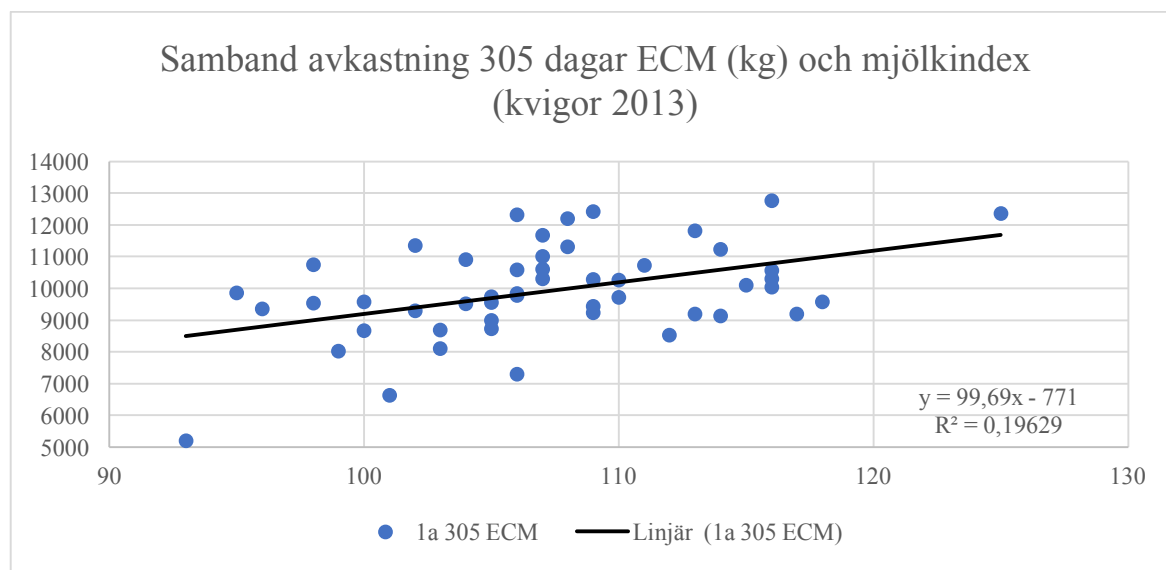
Spridningen av avelsvärden visas i tabell 5, generellt kan man se att för båda gårdarna var det större skillnad på spridningen för korna (MIN: 6,2 – 7,1; NTM: 5,6 – 6,5) än vad spridningen var för kvigorna (MIN: 4,6 – 6,8; NTM: 4,5 – 6,4). Värdena ändras och spridningen förändras efter att individens egna prestationer var inräknade.

Tabell 5. Spridning (standardavvikelse) av avelsindex MIN och NTM som kviga och som ko

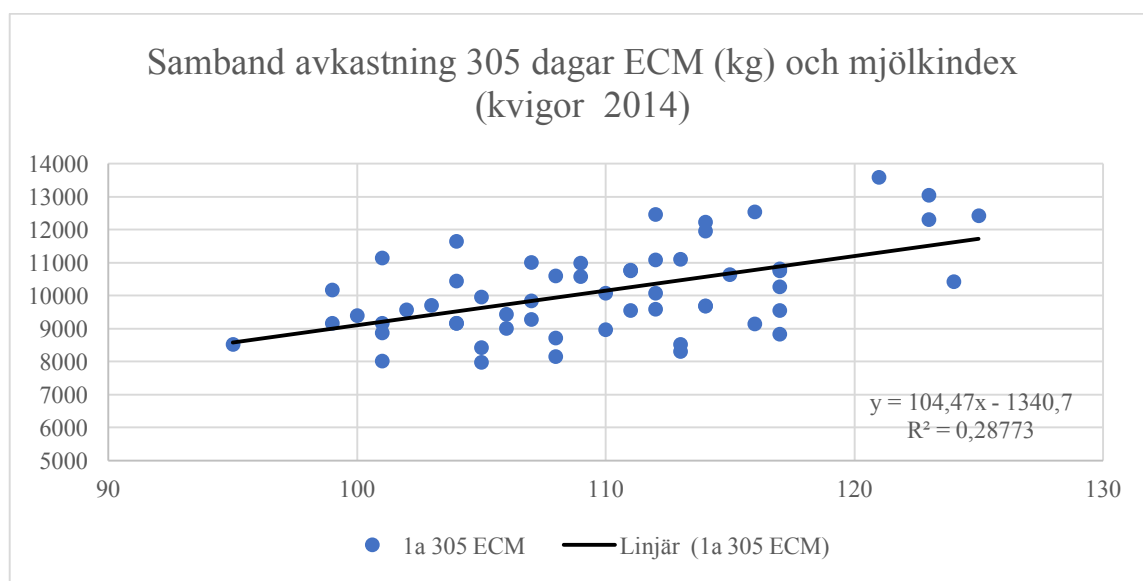
| Produktionsfas | MIN | NTM |
|-----------------------------------|-------|-------|
| Gård 1 – genomiskt testade | | |
| 2013 | | |
| Kvigor | ± 6,5 | ± 6,1 |
| Kor | ± 6,7 | ± 6,3 |
| 2014 | | |
| Kvigor | ± 6,8 | ± 6,4 |
| Kor | ± 7,1 | ± 6,5 |
| Gård 2 - härstamningsindex | | |
| 2013 | | |
| Kvigor | ± 4,6 | ± 4,5 |
| Kor | ± 6,2 | ± 5,6 |

Regressionsanalys

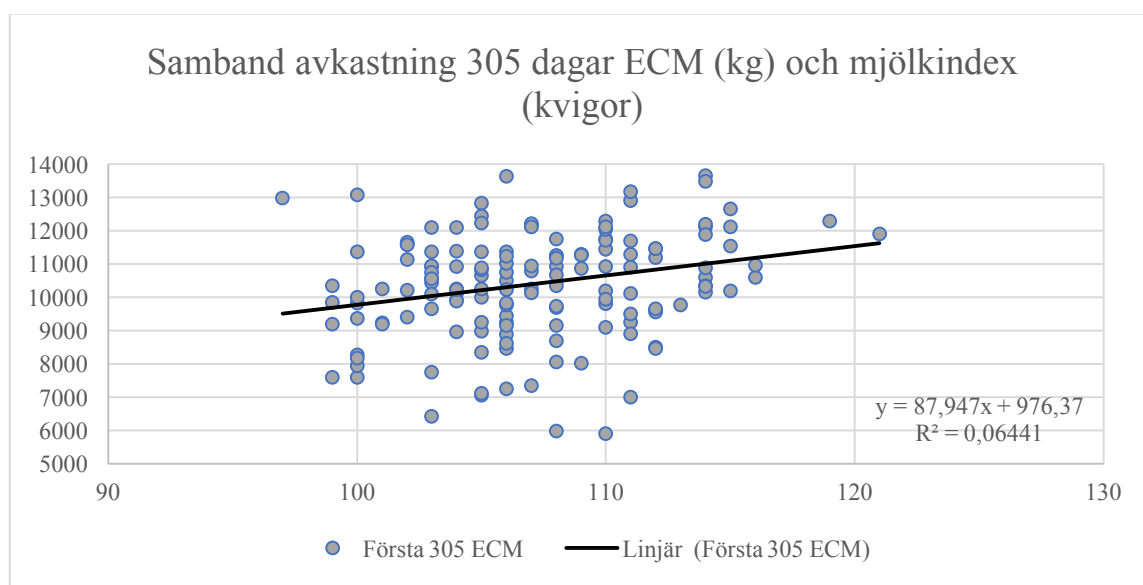
Regressionsanalyserna visar att det fanns signifikanta samband på båda gårdarna mellan MIN (kviga) och mjölkavkastning, dock var sambandet mycket svagt på gård 2 med härstamningsindex baserade avelsvärden (figur 2 - 4). Mellan NTM (kviga) och mjölkavkastning var det endast för årsklassen 2014 på gård 1 som det fanns ett signifikant samband. Sambandet var dock svagt (figur 5 - 7).



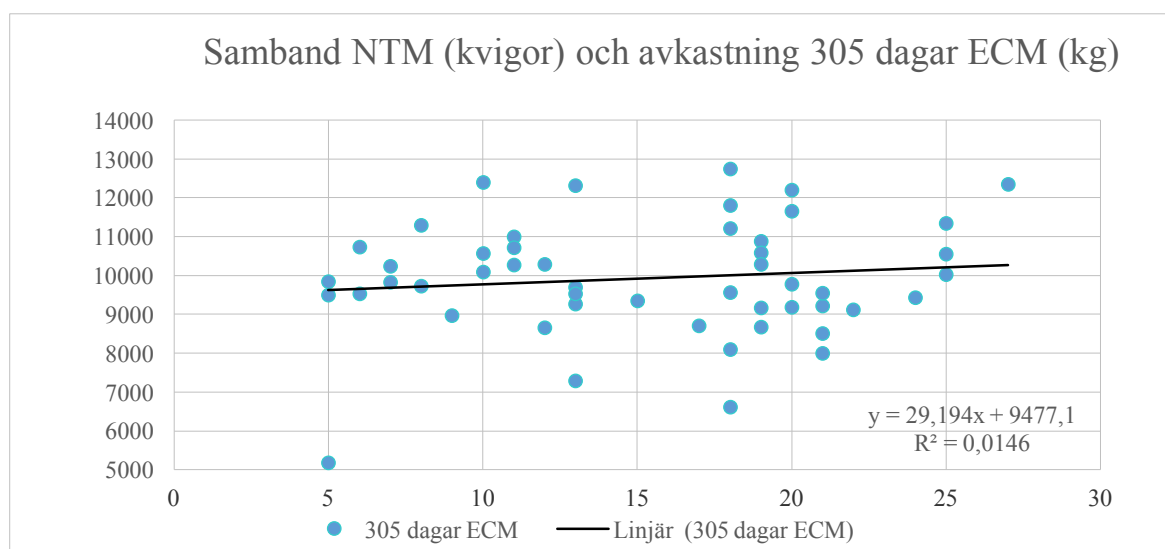
Figur 2. Samband mellan 305 dagars ECM och mjölkindex (MIN) som kviga på gård 1 som använde genomiska tester, årsklass 2013 (P-värde 0,001).



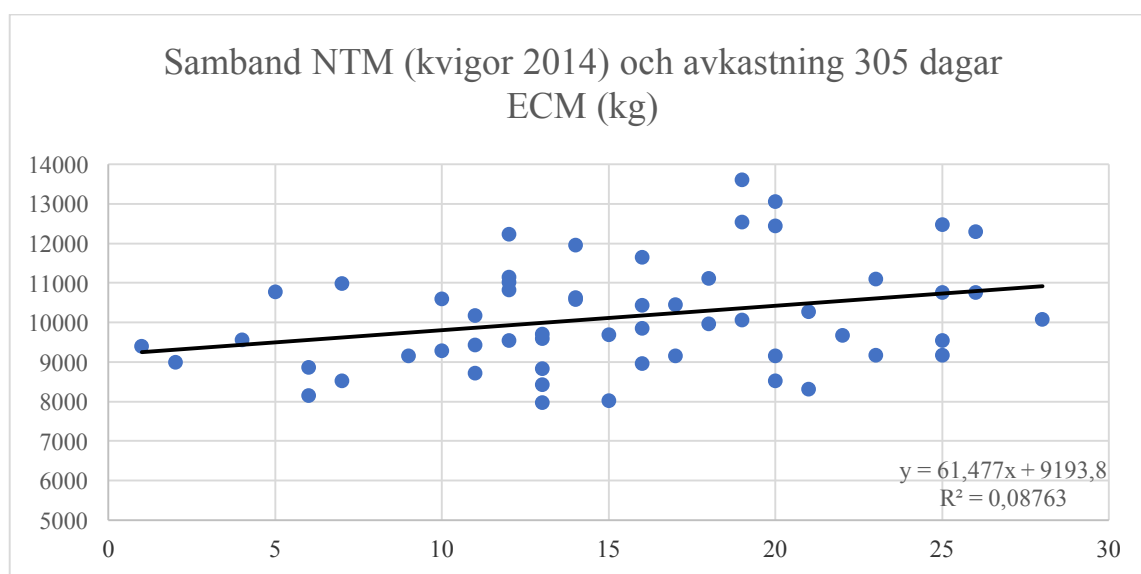
Figur 3. Samband mellan 305 dagars ECM som ko och mjölkindex (MIN) som kvisor på gård 1 som använde genomiska tester, årsklass 2014 (P-värde <0,001).



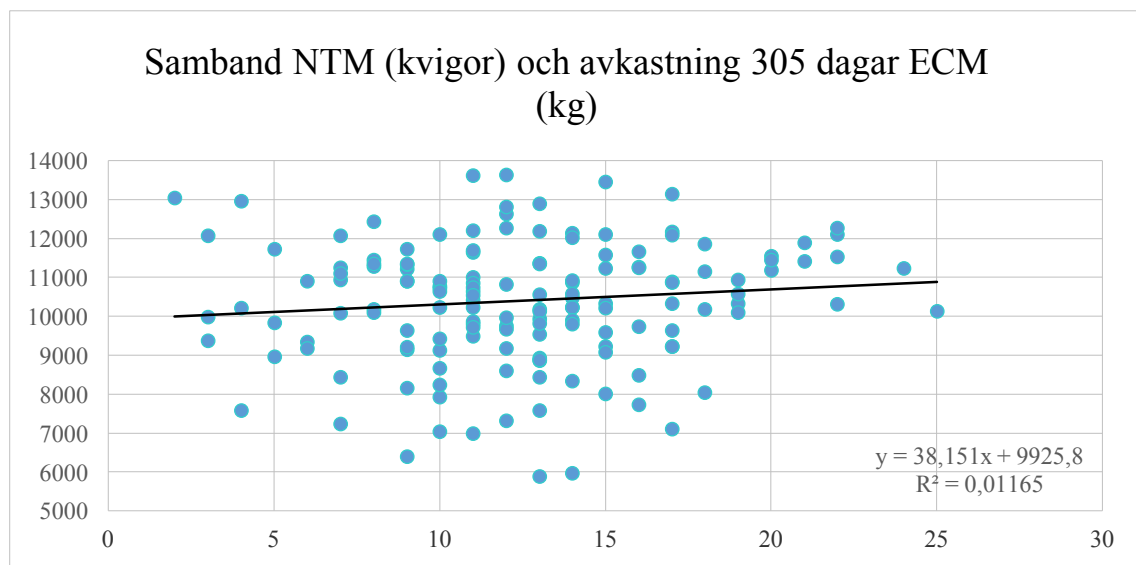
Figur 4. Samband mellan 305 dagars ECM som ko och MIN som kvisor på gård 2 som använde härstamningsindex (P-värde 0,002).



Figur 5. Samband mellan mjölkavkastning som ko mätt 305 dagars ECM och NTM som kviga på gård 1 som tog genomiska tester, årsklass 2013 (P-värde 0,403).



Figur 6. Samband mellan mjölkavkastning som ko mätt 305 dagars ECM och NTM som kviga på gård 1 som tog genomiska tester, årsklass 2014 (P-värde 0,027).



Figur 7. Samband mellan mjölkavkastning som ko mätt i 305 dagars ECM och NTM som kviga på gård 2 som använde härstamningsindex (P-värde 0,187).

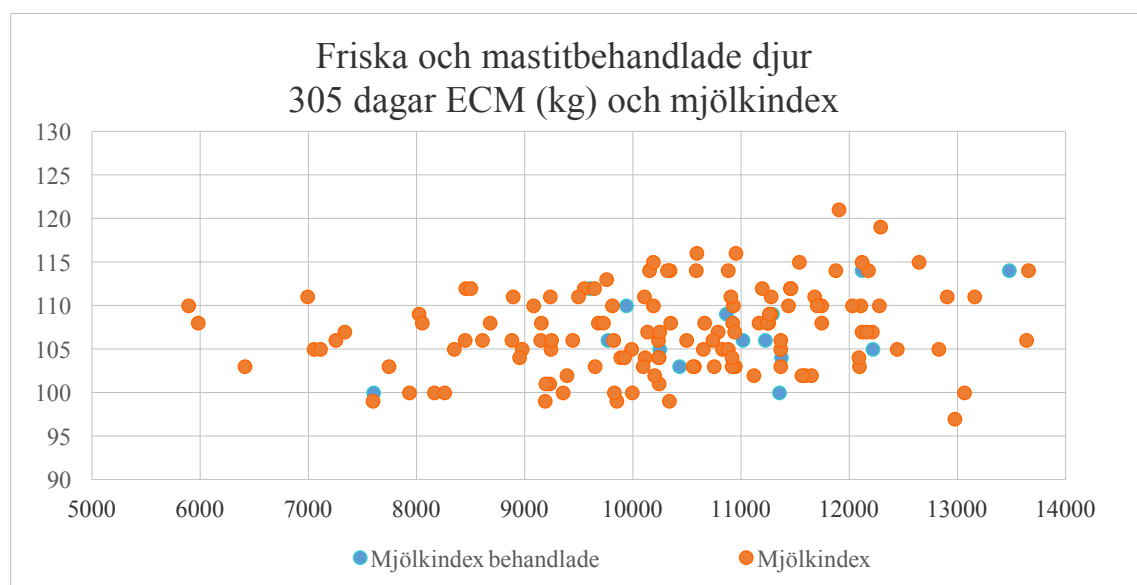
Juverhälsa

Korrelationen för juverhälsoindex som kviga med avelsvärdena MIN och NTM som kviga och motsvarande för avelsvärden som ko, undersöktes på gård 2 som använde sig av härstamningsindex. Korrelationen för juverhälsoindex och MIN är negativa för både kviga och som ko (-0,16 och -0,18) vilket beror på att djur med hög avkastning har högre risk att drabbas av juverhälsoproblem än vad djur med låg avkastning har. Sambandet för NTM – juverhälsoindex (korr: 0,39 – 0,45) var positivt för både som kviga och som ko (tabell 6).

Tabell 6. Korrelation och spridning (standardavvikelse) för avelsvärde MIN och NTM mot juverhälsa som kviga och som ko

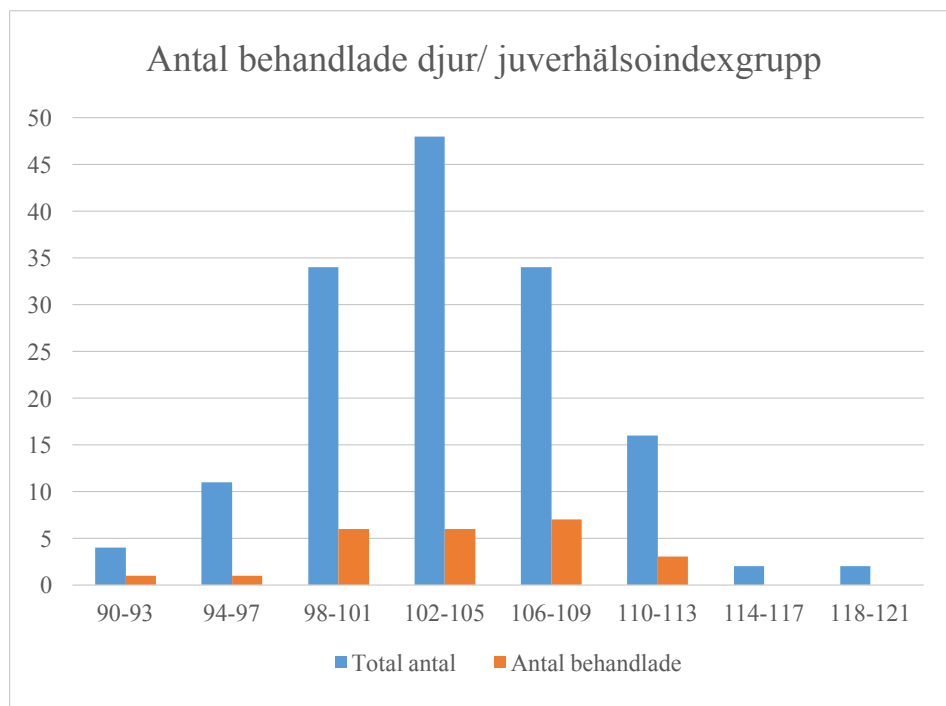
| Avelsindex | Korrelation |
|----------------------------------------------|-------------------|
| Kviga - Ko | |
| Juverhälsoindex(kor)-Juverhälsoindex (kviga) | 0,61 |
| Kviga | |
| MIN - Juverhälsoindex | -0,16 |
| NTM - Juverhälsoindex | 0,45 |
| Kor | |
| MIN - Juverhälsoindex | -0,18 |
| NTM - Juverhälsoindex | 0,39 |
| Juverhälsoindex – spridning | Standardavvikelse |
| Kviga | ± 5,1 |
| Kor | ± 6,7 |

I figur 8 går det att se vilka djur som har blivit behandlade för mastit, i förhållande till mjölkindex som kviga och avkastning som ko.

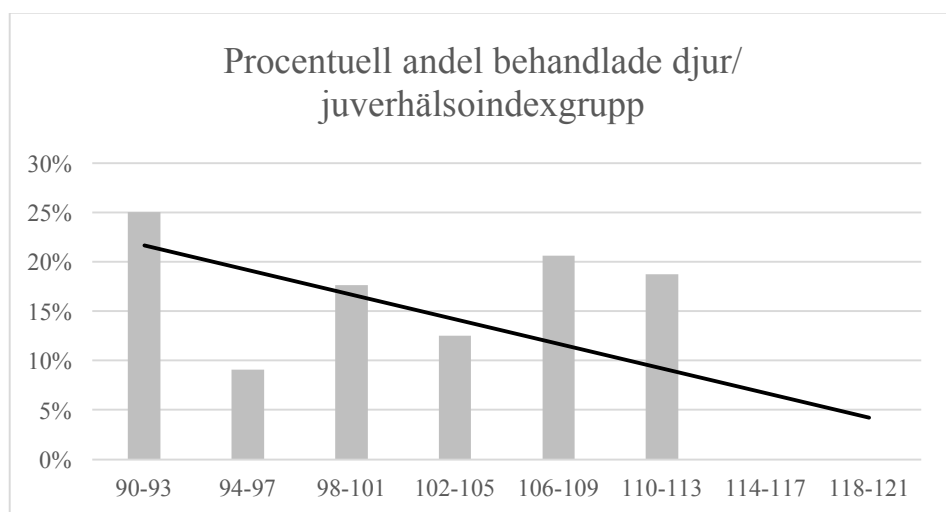


Figur 8. Friska och mastitbehandlade djurs mjölkavkastning som ko mätt i 305 dagars ECM i förhållande till mjölkindex som kviga på gård 2 som använde härstamningsindex (P-värde 0,929).

Högst andel behandlade djur finns i gruppen med juverhälsoindex som kviga på 90 – 93, här behandlades 25% av djuren (figur 9 och 10). Trenden var att djur med högt avelsindex för juverhälsa som kviga inte drabbades i lika hög grad av juverhälsoproblem som djur med lägre avelsindex (figur 10).

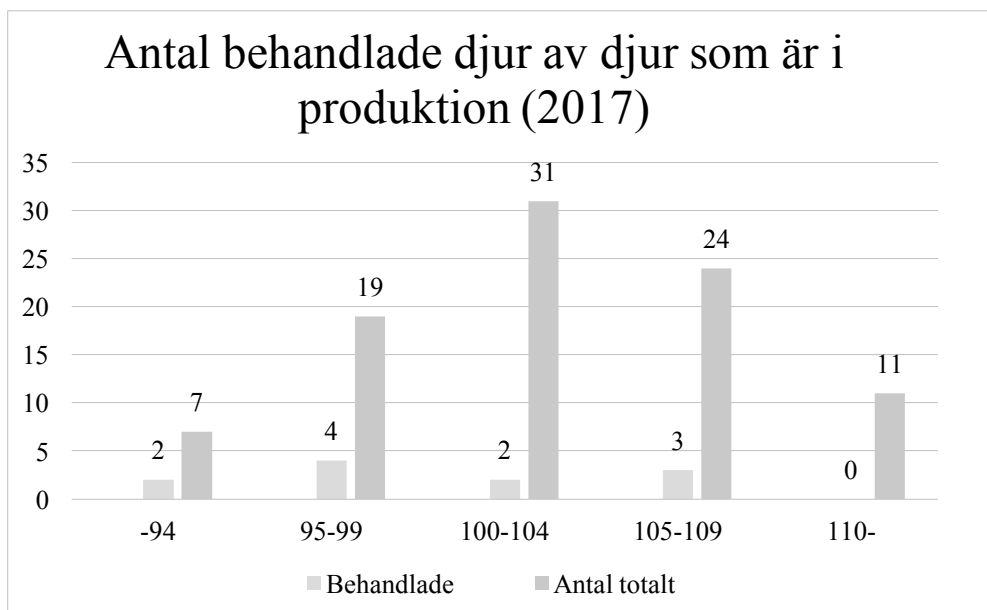


Figur 9. Antal mastitbehandlade djur och total antal djur sorterade efter juverhälsoindex som kviga på gård 2 som använde härstamningsindex.

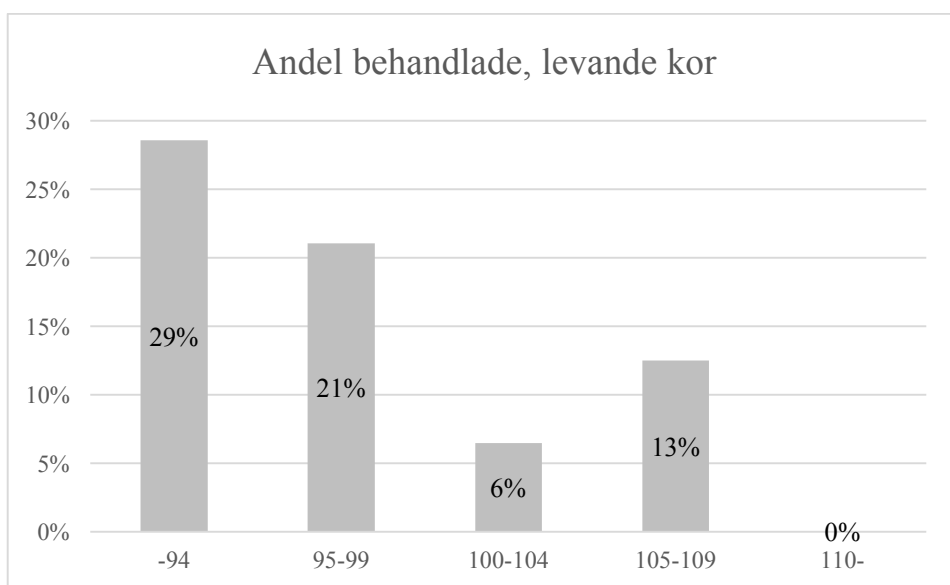


Figur 10. Andel mastitbehandlade djur i varje juverhälsoindexgrupp på gård 2 som använde härstamningsindex. Djuren är indelade i grupper efter juverhälsoindex som kviga.

Då de djur som utgått ur produktion under första laktationen togs bort från analysen framgår det ännu tydligare att djur med högt juverhälsoindex som kviga blev mer sällan sjuka (figur 11 och 12)



Figur 11. Totalt antal djur med fullständig laktation samt antal mastitbehandlade djur på gård 2 som använde härstamningsindex. Djuren är indelade i grupper efter juverhälsoindex som kviga.



Figur 12. Andel mastitbehandlade djur av totala antalet djur med fullständig laktation fördelat på olika juverhälsogrupper på gård 2 som använde härstamningsindex. Djuren var indelade efter juverhälsoindex som kviga.

Av de slaktade korna var 20% utgångna pga. mastit eller höga celltal. Det var högre andel av kor som behandlats för mastit bland de kor som slaktades under laktationen än av de som mjölkade under hela laktationen (tabell 7).

Tabell 7. Överlevnadstal och andel mastitbehandlade kor på gård 2 som använde härstamningsindex

| | Antal (st) | Andel behandlade (%) |
|--------------|---------------|-------------------------|
| Alla kor | 151 | 16 % |
| Levande kor | 85 | 13 % |
| Utgångna kor | 66 | 20 % |

Gruppering efter mjölkindex

I grupperingstestet på gård 2 som använde härstamningsindex delades djuren in i fem grupper efter mjölkindex som kvigor och sedan omgrupperades efter djurens mjölkindex som kor (tabell 8). Testet visade att de flesta av djuren som bytt grupp flyttade en grupp antingen upp eller ner, några djur bytte två grupper och en ko flyttade sig från grupp 1 till grupp 5. Flest djur stannade kvar i grupp 5. Även i grupp 1 stannade många djur (14 av 28). Det var vanligast för djuren i mellangrupperna att byta grupp.

Tabell 8. Gruppering efter mjölkindex som kviga respektive mjölkindex som ko på gård 2, som använde härstamningsindex. Djuren är indelade i 5 grupper där grupp 5= djur med högst mjölkindex och grupp 1= lägst mjölkindex. Antal över diagonalen anger djur som flyttat upp en eller flera grupper mellan grupperingarna och antal under diagonalen anger djur som flyttat ner en eller flera grupper.

| Grupp efter Mjölkinde | 1 (ko) | 2 (ko) | 3 (ko) | 4 (ko) | 5 (ko) | Totalt antal kor (kviga) |
|-----------------------|--------|--------|--------|--------|--------|-----------------------------|
| 1 (kviga) | 14 | 9 | 3 | 1 | 1 | 28 |
| 2 (kviga) | 6 | 9 | 10 | 3 | 2 | 30 |
| 3 (kviga) | 7 | 7 | 7 | 8 | 1 | 30 |
| 4 (kviga) | 1 | 4 | 7 | 9 | 9 | 30 |
| 5 (kviga) | 0 | 1 | 3 | 9 | 20 | 33 |
| Totalt antal kor (ko) | 28 | 30 | 30 | 30 | 33 | 151 |

Gruppering efter mjölkindex och beräkning av medelavkastning

Utfallet för testet där djuren grupperades in i tre grupper efter deras mjölkindex som kviga (grupp 1 lägst mjölkindex och grupp 3 högst mjölkindex) visar att på gård 1 i årsklass 2013 fanns en skillnad mellan grupp 1 och 3 på 1268 kg ECM, detta motsvarar 12,8% av medelavkastningen för årsklassen (tabell 9). I årsklass 2014 var skillnaden 1358 kg mjölk mellan grupp 1 och 3, vilket motsvarade 13,4% av medelavkastningen av årsklassen (tabell 10). På gård 2 var skillnaden mellan grupp 1 och 3 på 777 kg mjölk, vilket motsvarade 7,5% av årsklassens medelavkastning (tabell 11).

Det var större skillnad i medelavkastning mellan grupp 1 och 3 för gård 1 i båda årsklasserna än vad det var för djuren från gård 2. Det visar att med genomiska tester rangerades djuren på ett säkrare sätt efter deras framtida avkastning än då härstamningsindex användes (tabell 9, 10 och 11). Grupperna är indelade efter djurens mjölkindex som kviga.

Tabell 9. Medelavkastning hos kor med 305 dagars ECM för djuren på gård 1 som använde genomiska tester, årsklass 2013 grupperat efter mjölkindex som kviga (grupp 1=lägst mjölkindex och grupp3= högst mjölkindex)

| | Antal djur | Medelavkastning (kg) | Procentuell avkastning i förhållande till totalmedel |
|----------------|------------|----------------------|------------------------------------------------------|
| Grupp 1 | 17 | 9 008 | 90,8% |
| Grupp 2 | 16 | 10 523 | 106,0% |
| Grupp 3 | 17 | 10 276 | 103,5% |
| Alla | 50 | 9 924 | |

Tabell 10. Medelavkastning som ko 305 dagars ECM för djuren på gård 1 som använde genomiska tester, årsklass 2014 grupperat efter mjölkindex som kviga (grupp 1=lägst mjölkindex och grupp3= högst mjölkindex)

| | Antal djur | Medelavkastning (kg) | Procentuell avkastning i förhållande till totalmedel |
|----------------|------------|----------------------|------------------------------------------------------|
| Grupp 1 | 19 | 9 423 | 92,9% |
| Grupp 2 | 18 | 10 208 | 100,7% |
| Grupp 3 | 19 | 10 781 | 106,4% |
| Alla | 56 | 10 136 | |

Tabell 11. Medelavkastning som ko 305 dagars ECM för djuren på gård 2 som använde härstamningsindex, grupperat efter mjölkindex som kviga (grupp 1=lägst mjölkindex och grupp3= högst mjölkindex)

| | Antal djur | Medelavkastning (kg) | Procentuell avkastning i förhållande till totalmedel |
|----------------|------------|----------------------|------------------------------------------------------|
| Grupp 1 | 50 | 10 088 | 97,0% |
| Grupp 2 | 50 | 10 248 | 98,5% |
| Grupp 3 | 51 | 10 866 | 104,4% |
| Alla | 151 | 10 404 | |

DISKUSSION

Förväntningar

Förväntningarna för båda gårdarna och för både kvigor och kor var att mjölkindex (MIN) skulle ha ett starkare samband mot avkastning än NTM. Samt att djuren från gård 1 med avelsvärden baserade på genomiska tester skulle ha säkrare resultat än gård 2 med avelsvärden baserade på härstamning och att det skulle vara med högre säkerhet. Dessa förväntningar var baserade på att de genomiska testerna borde rangera djuren med större säkerhet än om man bara tittar på härstamningsindex.

Gård 1 med avelsvärde baserat på genomiska tester

Utifrån medeltalet av korrelationen för gård 1 årsklass 2013 och 2014 framgick det att sambandet var högre mellan mjölkindex som kviga och avkastning som ko än vad sambandet var mellan NTM som kviga och avkastning som ko. För årsklass 2014 så fanns det ett väldigt starkt samband mellan MIN som kviga och MIN som ko (tabell 2), detta beror troligen på att det var många djur, cirka 60% av djuren, i denna årsklassen som inte hade haft laktation i 305 dagar utan mjölkavkastningen var beräknad utifrån ett färre antal laktationsdagar.

Gård 2 med avelsvärden baserat på härstamning

Korrelationen mellan MIN som kviga och avkastning var 0,25, vilket är lågt men om fler djur ingått i undersökningen och miljöaspekter sorterats bort så hade troligen sambandet blivit starkare (tabell 3). Korrelationen mellan mjölkindex som ko och avkastning som ko var hög (0,63) vilket antagligen beror på all den värdefulla informationen som fanns i kokontrollen (tabell 4).

Juverhälsa

Förväntningarna på denna undersökningen var att ju bättre juverhälsoindex djuret har desto bättre blir juverhälsan. Tittar man i tabell 5 ser man att korrelationen mellan MIN som kviga respektive MIN som ko och juverhälsa var negativ. Detta är delvis som förväntat eftersom att de djur som har hög avkastning har högre risk för att drabbas av mastit och höga celltal än vad djur med låg avkastning har. Mjölkindex och juverhälsoindex påverkar varandra, de djuren som har högt mjölkindex riskerar i större grad att råka ut för juverhälsoproblem på grund av hög avkastning. Någon djupare

analys av varje individ om varför de har fått mastit och vilken typ av mastit de har haft har inte gjorts.

För juverhälsoindex fanns ett samband mellan djurens juverhälsoindex och vilka som drabbades av juverhälsoproblem. Miljön påverkade även vilka djur som drabbades och inte drabbades av juverhälsoproblem. Djur med hög juverhälsoklass som kvinga hade mjölkproduktion längre än djur med ett lägre juverhälsoindex. Av de utslagna djuren var det 20% som någon gång var behandlade eller utslagna på grund av högt celltal.

Slutsatserna av denna undersökning om juverhälsa var att det fanns en tydlig trend att djur med högt avelsindex för juverhälsa som kvinga drabbades i mindre utsträckning av mastit eller blev utslagna på grund av juverhälsoproblem. Om undersökningen haft fler djur hade resultat förmodligen varit ännu klarare.

Mjölkspris

Regressionsanalyserna visade hur mycket mer korna skulle mjölka i genomsnitt om avelsvärdet som kvinga ökade med en indexenhet. Enligt regressionerna i figur 2 – 4 skulle avkastningen på gård 2 öka med 87,9 kg ECM för varje ökad mjölkindexenhet. Om man höjer genomsnittet på avelsvärdet mjölkindex på gård 2 med en indexenhet per år skulle man med dagens mjölkspris (350,1 öre konventionellt och 459,5 öre ekologiskt; Arla, 2017a) öka intäkterna med 307,7 kronor/ko och år för en konventionell besättning, och för en ekologisk besättning ökar intäkterna med 411,1 kronor/ko och år.

Motsvarande beräkning för gård 1 innebar en ökning med 99,7 kg ECM för kvingor födda 2013 och med 104,5 kg ECM för kvingor födda 2014. Detta skulle leda till en inkomstökning med 349,1 kronor/ko och år för årsklassen 2013 och med 365,9 kronor/ko och år för årsklassen 2014. Om gården är ekologisk ökar ersättningen med 458,1 kronor/ko och år för årsklassen 2013 och 488,7 kronor/ko och år för årsklassen 2014.

Jämförelse mellan gårdarna

Spridningen för avelsvärdena MIN och NTM var generellt större för båda besättningarna hos korna än för kvingorna, detta är som förväntat på grund av att djurets egen avkastning då är inkluderad.

Vid en jämförelse av korrelationerna mellan mjölkindex och avkastning som ko på båda gårdarna ser man att skillnaden var större för MIN som kvinga än för MIN som ko. Gård 1 som använde genomiska tester hade MIN som kvinga och mjölkavkastning en högre korrelation (0,49) jämfört med gård 2 som använde härstamningsindex (0,25). För MIN som ko och avkastning var korrelationerna mer lika, gård 1 (0,52) och gård 2 (0,63). Resultatet visar att för egenskapen, mjölkindex, som har hög arvbarhet får man tidigt reda på hur kvingan sannolikt kommer att prestera när hon blir ko genom att ta genomiska tester.

Avelsvärdena korrigeras allt eftersom när information om varje individ finns registrerad på kokontrollen. Detta visar att värdet av att vara med i kokontrollen är högt. Mellan djuren med bästa MIN och sämsta MIN var skillnaden större för gård 1 som använde genomiska tester än för gård 2 som använde härstamningsindex, detta beror förmodligen på att avelsvärdena som är baserade på genomiska tester säkrare rangerar kvigorna efter deras framtida avkastning.

Korrelationerna och regressionsanalyserna har fått liknande resultat för kvigorna på båda gårdarna, resultaten visar att sambanden mellan MIN och avkastning är starkare än resultaten för NTM och avkastning. Detta beror på att i NTM är det flera egenskaper som påverkar kvigans index medan MIN endast är kvigans mjölkproduktion.

För egenskapen mastitresistens, som har låg arvbarhet, har faktorer runt omkring påverkan på hur utfallet blir. Resultatet av undersökningen visar att det var större andel av korna med lågt juverhälsoindex som drabbades av juverhälsoproblem än kor med högt juverhälsoindex. För att kunna slutföra en jämförelse för mastitresistens mellan de två tillvägagångssätten, skulle en undersökning om juverhälsa även behövs göras på gård 1 som använde genomiska tester.

Baserat på resultaten från detta arbete går det att säga att besättningar som använder sig av NTM baserat på genomiska tester med större säkerhet kan förutsäga djurets framtida prestationer vad det gäller mjölkavkastning. Det är viktigt att balansera de olika avelsvärdena för att få hållbara djur som stannar i produktion och inte blir utslagna på grund av exempelvis juverhälsoproblem. Friska djur är bättre för gårdens ekonomi än sjuka djur.

Verktyg för kokontrollen

Att ta fram ett verktyg där lantbrukaren själv kan gå in via Växa Sveriges hemsida och se denna typen av diagram och uträkningar som upprättats i detta arbete skulle absolut kunna fungera smidigt om all information som behövs finns att tillgå i kokontrollen. Under arbetets gång var det svårt att få tag i ungdjursredovisningen för gård 2 som använde härstamningsindex. I den fanns alla avelsvärden från hösten efter födsel. Den information som behövs om en besättnings djur för att kunna bygga ihop ett verktyg är 305 dagars ECM, MIN och NTM. Givetvis går det att fortsätta bygga på detta med fler byggstenar som juverhälsa och klövhälsa men då behöver även gårdens egna anteckningar registreras.

NTM och MIN har enkelt kunnat tas fram genom tjänsten KOOL som Viking Genetics och Växa Sverige använder sig av. Denna tjänst är det endast ett fåtal besättningar som har tillgång till. För de besättningar som inte har KOOL är det alltså lite svårare att ta fram informationen som behövs eftersom att man då måste in i Kokontrollen för att hämta informationen. I kokontrollen finns mycket information att få tag på men ibland är den lite svårt att hitta tyvärr. Mitt förslag till Växa Sverige är att man skall spara ner avelsvärden som mjölkindex, NTM och juverhälsa för varje individ så att varje besättning enkelt kan komma åt den information man vill ha. Efter det skulle man kunna

utveckla ett verktyg där mjölkproducenterna kan gå in och välja vilken årsklass det är man vill kontrollera och få upp diagram för hur det ser ut.

Tankar kring slutsats

Att aveln skulle bli bättre sen de genomiska testerna kom är det inte många som tvivlar på dock är det fortfarande många besättningar som inte tar genomiska tester. Vad detta beror på är oklart men en teori är att det extra moment eller arbete som lantbrukaren måste utföra för att testet ska bli taget får lantbrukaren att välja bort att göra det. Att testet kostar lite pengar kan också påverka och göra att testet uteblir, framförallt när mjölkpriset är lågt. För de större besättningar blir det fort stora summor. Det verkar som att många tycker att det är mycket inrapporteringar och dylikt ändå och ska man då lägga till ytterligare ett moment som är att ta tester på alla kalvarna så känner nog många att tiden inte riktigt räcker till. Men de besättningar som har lyckats göra testet till en rutin verkar väldigt nöjda.

Slutsats

- Det finns ett tydligt samband mellan kvigornas mjölkindex och avkastningen i första laktationen
- Avelsvärden baserat på genomiska tester förutsäger kvigors framtida prestation i form av mjölkavkastning bättre än avelsvärden baserat på härstamningsindex.
- Det är värdefullt att registrera till kokontrollen där mycket information sammanställs och hanteras av Växa Sverige.
- Säkrare avelsvärden underlättar avelsplanering vilket leder till hållbara och friska djur.
- Ekonomin gynnas av att besättningarna har mycket information om sina djur som underlag för beslut.
- Om det går att öka mjölkindexenheten med en enhet går det att tjäna mer pengar på varje ko/år.
- Ett verktyg för lantbrukarna i kokontrollen skulle vara användbart, men det förutsätter att informationen som behövs är lättillgänglig.

REFERENSER

- Agria, 2016, *SRB, SLB och SJB – mjölkkor på svenska gårdar*, Tillgänglig: <http://www.agria.se/lantbruk/artiklar/om-lantbruk/srb-slb-och-sjb-tre-mjolkoraser-pa-svenska-gardar/> [2015-05-04]
- Arla, 2017 (a), *Arlapris 2017*, Tillgänglig: <https://www.arla.se/bondeagda-arla/agare/arlapris/2017/> [2017-04-26]
- Arla, 2017 (b), *Fakta om mjölkpris till Arlabönder*, Tillgänglig: <https://www.arla.se/bondeagda-arla/nyheter-press/fragor-och-svar-om-mjolkpriset/> [2017-05-02]
- Johansson, K. 2009. *Vad innebär genomisk selektion för internationella samarbetet inom mjölkkoaveln?*, Forskning Special, Svensk Mjolk, Stockholm, Tillgänglig: <http://www.yumpu.com/sv/document/view/20471089/vad-innebar-genomisk-selektion-for-internationella-samarbetet-inom> [2017-04-22]
- Lindhé, B. 2009, *Avel med mjölkboskap under 200 år*, Skara, Tryck Strokirk-Landströms AB / Print Consult
- NAV, u.å. (a), *Avel för ökad lönsamhet*, Tillgänglig: <http://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2015/05/NTM-folder-SWE-webb.pdf> [2017-04-27]
- NAV, u.å. (b), *Produktion*, Tillgänglig: <http://www.nordicebv.info/sv/production/> [2017-05-02]
- Nilsson, M. 2009, *Mjölkcor*, Stockholm, Natur & Kultur
- SCB, 2017-03-31, *Husdjur i juni 2016*, Tillgänglig: http://www.scb.se/contentassets/9e208ea3b0084ec498df17f92b69771b/jo0103_2016m06_sm_jo20sm1701.pdf [2017-04-24]
- Skansen, 2017, *Låglandsboskap*, Tillgänglig: <http://www.skansen.se/sv/låglandsboskap> [2017-05-03]
- Svensk Mjolk, u.å. *Tolkningsguiden*, Tillgänglig: [http://frejahusdjur.econtent.se/econtent/files/99/tolkningsguide_for_kokontrollen_t2698b\[1\].pdf.pdf](http://frejahusdjur.econtent.se/econtent/files/99/tolkningsguide_for_kokontrollen_t2698b[1].pdf.pdf) [2017-05-02]
- Vejde, O. & Leander E. u.å. (a), *Regressionsanalys*, Ordbok i statistik.Olle Vejde Förlag, Tillgänglig: <http://www.ollevejde.se/statistikord/regressionsanalys.htm> [2017-05-03]
- Vejde, O. & Leander E. u.å. (b) *Korrelation*, Ordbok i statistik.Olle Vejde Förlag Tillgänglig: <http://www.ollevejde.se/statistikord/korrelation.htm> [2017-05-04]

Viking Genetics, 2008, *Avelsvärdering version VIII 2008-02-11*, Tillgänglig:
<http://www.sweebv.info/Dokument/Avelsv%C3%A4rdering%20versionVIII.pdf> [2017-04-29]

Växa, 2016-10-06 (a), *NTM – ett effektivt verktyg för nordiska mjölkföretag*, Tillgänglig:
<https://www.vxa.se/fakta/avel-pa-djupet/nordic-total-merit-ntm/> [2017-03-29]

Växa, 2016-10-07 (b), *Hur avelsarbetet är organiserat*, Tillgänglig:
<https://www.vxa.se/fakta/avel-pa-djupet/Avelarbetets-organisering/> [2017-04-24]

Växa, 2016-10-07 (c), *Nordisk avelsvärdering – ett effektivt samarbete*, Tillgänglig:
<https://www.vxa.se/fakta/avel-pa-djupet/NAV/> [2017-04-24]

Växa, 2016-10-04 (d), *Kokontrollens årsresultat klart, Sverige ligger över 10 000 kg ECM*, Tillgänglig:
<http://www.mynewsdesk.com/se/vaexa-sverige/pressreleases/kokontrollens-aarsresultat-klart-sverige-ligger-oever-10-000-kg-ecm-1589831> [2017-05-04]